

Figure 1: Alignment of the BASB040 polynucleotide sequences. Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot.

Seqidl Seqid3 Seqid5	:	* 20 * ATGATGATCAAACCGACCGCCCTGCTCCTG	:	30 30 -
Seqid1 Seqid3 Seqid5	:	40 * 60 CCGGCTTTATTTTTCTTTCCGCACGCATAC	:	60 60 -
Seqid1 Seqid3 Seqid5	:	* 80 * GCGCCTGCCGCCGACCTTTCCGAAAACAAG	: : :	90 90 24
Seqid1 Seqid3 Seqid5	:	100 * 120 GCGGCGGGTTTCGCATTGTTCAAAAACAAA	: : :	120 120 54
Seqid1 Seqid3 Seqid5	:	* 140 * AGCCCCGACACCGAATCAGTTAAATTAAAA	:	150 150 84
Seqidl Seqid3 Seqid5	:	160 * 180 CCCAAATTCCCCGTCCGCATCGACACGCAG	: :	180 180 114

		* 200 *		
Seqid1	:	GATAGTGAAATCAAAGATATGGTCGAAGAA	:	210
Seqid3	:		:	210
Seqid5	:	C	:	144
_				
		220 * 240		
Seqid1	:	CACCTGCCGCTCATCACGCAGCAGCAGGAA	:	240
Seqid3	:		•	240
Seqid5	:	********************	:	174
-			•	
		* 260 *		
Seqidl		GAAGTATTGGACAAGGAACAGACGGGCTTC		270
Seqidi Seqidi	•	GAAGIAIIGGACAAGGAACAGACGGCIIC	•	270
Seqid5	•	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •		204
Seqius	•		•	204
		280 * 300		
Seqid1		CTCGCCGAAGAAGCACCGGACAACGTTAAA		300
Seqid3	•	CICGCCAAAAAACACCGGACAACGIIAAA	•	300
Seqid5	•		•	234
Jeqras	•		•	234
		* 320 *		
Ca~+ d1		320		220
Seqidl	•	ACCATGCTCCGCAGCAAAGGCTATTTCAGC	:	330
Seqid3	:		:	330
Seqid5	•	G	:	264
		340 * 360		
Segid1		AGCAAAGTCAGCCTGACGGAAAAAGACGGA		360
Seqidi Seqidi	•	AUUJABAAAABUUJAUTUJOONI TONNAUDA	:	360
Seqid5		••••••••••	:	294
2Eding	•	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	:	294

WO 00/34480

Seqidl	:	GCTTATACGGTACACATCACACCGGGCCCG	:	390
Seqid3	:		:	390
Seqid5	:		:	324
		400 * 420		
Segidl		CGCACCAAAATCGCCAACGTCGGTGTCGCC		420
Seqid3			•	420
	:		•	354
Seqid5	•		•	
	•	* 440 *		
Seqidl		ATCCTCGGCGACATCCTTTCAGACGGCAAC		450
_			•	450
-		• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	•	
Seqid5	:	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	:	384
				,
		460 * 480		
Seqidl		CTCGCCGAATACTACCGCAACGCGCTGGAA	:	480
Seqid3	:		:	480
Seqid5	:	•••••••	:	414
		* 500 *		
Seqidl	:	AACTGGCAGCAGCCGGTAGGCAGTGATTTC	:	510
Seqid3	:		:	510
Seqid5	:		:	444
		520 * 540		
Seqidl	:	GATCAGGACAGTTGGGAAAACAGCAAAACT	:	540
Seqid3	:		:	540
_			:	474
•				
		* 560 *		
Segidl	:	TCCGTCCTCGGCGCGGTAACGCGAAAAGGC	:	570
-				570
•				

arre arre and from the series are the first than the first that the first than th

Seqid5	:		:	504
Seqid1 Seqid3 Seqid5	:	580 * 600 TACCCGCTTGCCAAGCTCGGCAACACCCGG	:	600 600 534
Seqidl Seqid3 Seqid5		* 620 * GCGGCCGTCAACCCCGATACCGCCACCGTC	:	630 630 564
Seqid1 Seqid3 Seqid5	:	640 * 660 GATTTGAACGTCGTCGTGGACAGCGGCCGC	:	660 660 594
Seqid1 Seqid3 Seqid5	: :	* 680 * CCCATCGCCTTCGGCGACTTTGAAATCACC	: :	690 690 624
Seqid1 Seqid3 Seqid5	:	700 * 720 GGCACACAGCGTTACCCCGAACAAATCGTC	:	720 720 654
Seqid1 Seqid3 Seqid5	:	* 740 * TCCGGCCTGGCGCGCTTCCAACCGGGCACG	:	750 750 684

		760 * 780		
Seqidl Seqid3	:	CCCTACGACCTCGACCTGCTCGACTTC	:	780 780
Seqid5	:	G	:	714
Seqidl		* 800 * CAACAGGCACTCGAACAAAACGGGCATTAT	:	810
Seqid3 Seqid5			:	810 744
Segidl	:	820 * 840 TCCGGCGTCCGTACAAGCCGACTTCGAC	:	840
Seqid3 Seqid5	:		:	840 774
Seqidl	:	* 860 * CGTCTCCAAGGCGACCGCGTCCCGTCAAA	:	870
Seqid3 Seqid5		C	:	870 804
Seqid1 Seqid3 Seqid5	:	880 * 900 GTCAGCGTAACCGAGGTCAAACGCCACAAG		900 900 834
Seaid1	•	* 920 * CTCGAAACCGGCATCCGCCTCGATTCGGAA	•	930
-	:		:	930 864
Seaid1	•	940 * 960 TACGGTTTGGGCGGCAAAATCGCCTACGAC	•	960

The state of the s

Seqid3 Seqid5	:	•••••••••••	:	960 894
Seqidl Seqid3 Seqid5	•	* 980 * TATTACAACCTCTTCAACAAAGGCTATATC	:	990 990 924
Seqid1 Seqid3 Seqid5	•	1000 * 1020 GGCTCGGTCTGGGATATGGACAAATAC	:	1020 1020 954
Seqid1 Seqid3 Seqid5	:	* 1040 * GAAACCACGCTTGCCGCCGGCATCAGCCAG	:	1050 1050 984
Seqid1 Seqid3 Seqid5	:	1060 * 1080 CCGCGCAACTATCGGGGCAACTACTGGACA	: :	1080 1080 1014
Seqidl Seqid3 Seqid5		* 1100 * AGCAACGTTTCCTACAACCGTTCGACCACC	:	1110 1110 1044
	:	1120 * 1140 CAAAACCTCGAAAAACGCGCCTTCTCCGGC	:	1140 1140 1074

the test that the first that the test to t

Seqidl Seqid3 Seqid5	:	* 1160 * GGCATCTGGTATGTGCGCGACCGCGCGCCG	:	1170 1170 1104
Seqidl Seqid3 Seqid5	:	1180 * 1200 ATCGATGCCAGGCTGGGGGCAGAGTTTCTC	: :	1200 1200 1134
Seqid1 Seqid3 Seqid5	:	* 1220 * GCAGAAGGCCGGAAAATCCCCGGCTCGGAT	:	1230 1230 1164
Seqidl Seqid3 Seqid5	:	1240 * 1260 ATCGATTTGGGCAACAGCCACGCCACGATG G	: :	1260 1260 1194
Seqid1 Seqid3 Seqid5	:	* 1280 * CTGACCGCCTCTTGGAAACGCCAGCTGCTC	:	1290 1290 1224
Seqid1 Seqid3 Seqid5	: :	1300 * 1320 AACAACGTGCTGCATCCCGAAAACGGCCAT	:	1320 1320 1254

Seqidl Seqid3	:	TACCTCGACGGCAAAATCGGTACGACTTTG	:	1350 1350
Seqid5	:	•••••••	:	1284
		1360 * 1380		
Seqid1	:	GGCACATTCCTGTCCTCCACCGCGCTGATC	:	1380
Seqid3	:	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	:	1380
Seqid5	:		:	1314
		* 1400 *		
Segid1	:	CGCACCTCTGCCCGTGCAGGTTATTTCTTC	:	1410
Seqid3	:	•••••	:	1410
Seqid5	:	••••••	:	1344
		1420 * 1440		
Seqidl	:	ACGCCCGAAAACAAAAACTCGGCACGTTC	:	1440
Seqid3	:		:	1440
Seqid5	:	•••••	:	1374
		* 1460 *		
Seqidl	:	ATCATACGCGGACAAGCGGGTTACACCGTT	:	1470
Seqid3	:		:	1470
Seqid5	:	••••••	:	1404
		1480 * 1500		
Segidl	:	GCCCGCGACATGCCGACGTTCCTTCAGGG	:	1500
-			:	
		* 1520 *		
Seaid1		CTGATGTTCCGCAGCGCGCGCGCGTCTTCC		1530
		·····		
	•		•	

The state of the s

Hart and then the terms of

Seqid5	:	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	:	1464
Seqidl Seqid3 Seqid5		1540 * 1560 GTGCGCGGTTACGAACTCGACAGCATCGGA	: : :	1560 1560 1494
Seqidl Seqid3 Seqid5	:	* 1580 * CTTGCCGGCCCGAACGGATCGGTCCTGCCC	:	1590 1590 1524
Seqidl Seqid3 Seqid5	:	1600 * 1620 GAACGCGCCTCCTGGTGGGCAGCCTGGAA		1620 1620 1554
Seqid1 Seqid3 Seqid5		* 1640 * TACCAACTGCCGTTTACGCGCACCCTTTCC	:	1650 1650 1584
Seqidl Seqid3 Seqid5	:	1660 * 1680 GGCGCGGTGTTCCACGATATGGGCGATGCC	:	1680 1680 1614
Seqidl Seqid3 Seqid5		* 1700 * GCCGCCAATTTCAAACGTATGAAGCTGAAA	:	1710 1710 1644

....

_		1720 * 1740		
Seqidl	:	CACGGTTCGGGACTGGGCGTGCGCTGGTTC	:	1740
Seqid3	:		:	1740
Seqid5			:	1674
		·		
		* 1760 *		
Segidl	:	AGCCCGCTTGCGCCGTTTTCCTTCGACATC	:	1770
Seqid3			:	1770
Seqid5			•	1704
ocqia	•		•	
		1780 * 1800		
Seqidl	:	GCCTACGGGCACAGCGATAAGAAAATCCGC	:	1800
Seqid3	:		:	1800
Segid5	:		:	1734
•				
		* 1820 *		
Seqidl		TGGCACATCAGCTTGGGAACACGCTTCTAA	:	1830
Seqid3	:		:	1830
Seaid5	•		•	1764

Figure 2: Alignment of the BASB040 polypeptide sequences. Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot.

		* 20 *		
Seqid2	:	MMIKPTALLLPALFFFPHAYAPAADLSENK	:	30
Seqid4	:		:	30
Seqid6	:		:	8
		•		
		40 * 60		
Seqid2	:	AAGFALFKNKSPDTESVKLKPKFPVRIDTQ	:	60
Seqid4	:	•••••	:	60
Seqid6	:	L	:	38
		* 80 *		
Seqid2	:	DSEIKDMVEEHLPLITQQQEEVLDKEQTGF	:	90
Seqid4	:	•••••	:	90
Seqid6	:	•••••	:	68
		100 * 120		
Seqid2	:	LAEEAPDNVKTMLRSKGYFSSKVSLTEKDG	:	120
Seqid4	:	•••••	:	120
Segid6	:	••••••	:	98

	•	*	140	*		
Seqid2	:	AYTVHITPGPRI	KIANVGVAILG	DILSDGN	:	150
Seqid4	:				:	150
Seqid6	:		• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	• • • • • •	:	128
		160	*	180		
Seqid2	:	LAEYYRNALEN	NQQPVGSDFDQD	SWENSKT	:	180
Seqid4	:				:	180
Seqid6	:				:	158
			222	.1.		•
		*	200	*		
Seqid2	:	SVLGAVTRKGY	PLAKLGNTRAAV	NPDTATV	:	210
Seqid4	:				:	210
Seqid6	:	A.	Q	A	:	188
		220	*	240		
Seqid2	:	DLNVVVDSGRP	IAFGDFEITGTQ	RYPEQIV	:	240
Seqid4	:				:	240
						210

Seqid2	:	SGLARFQPGTPYDLDLLLDFQQALEQNGHY	:	270
Seqid4	:		:	270
Seqid6	:		:	248
-		•		
		280 * 300		
Seqid2	:	SGASVQADFDRLQGDRVPVKVSVTEVKRHK	:	300
Seqid4	:		:	300
Seqid6	:		:	278
		* 320 *		
Seqid2	:	LETGIRLDSEYGLGGKIAYDYYNLFNKGYI	:	330
Seqid4	:		:	330
Seqid6	:		:	308
		340 * 360		
Seqid2	:	GSVVWDMDKYETTLAAGISQPRNYRGNYWT	:	360
Seqid4	:		:	360
Seqid6	:		:	338
		* 380 *		
Seqid2	:	SNVSYNRSTTQNLEKRAFSGGIWYVRDRAG	:	390
Segid4	:		:	390

1

WO 00/34480

14 / 15

P	~	Т	F	P	q	Q,	/N	q	56	n
	•		_		,	"	·	•		v

Seqid6	:		:	368
		400 * 420		
Seqid2	:	IDARLGAEFLAEGRKIPGSDIDLGNSHATM	:	420
Seqid4	:		:	420
Seqid6	:	A	:	398
		* 440 *		
Seqid2	:	LTASWKRQLLNNVLHPENGHYLDGKIGTTL	:	450
Seqid4	:		:	450
Seqid6	:	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	:	428
				•
		460 * 480		
Seqid2	:	GTFLSSTALIRTSARAGYFFTPENKKLGTF	:	480
Seqid4	:		:	480
Seqid6	:	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	:	458
		•		
		* 500 *		
Seqid2	:	IIRGQAGYTVARDNADVPSGLMFRSGGASS	:	510
Seqid4	:	•••••••••••••••••••••••••••••••••••••••	:	510

;;;; ∰::i*

WO 00/34480

PCT/EP99/09560

		520 * 540		
Seqid2	:	VRGYELDSIGLAGPNGSVLPERALLVGSLE	:	540
Seqid4	:	••••	:	540
Seqid6	:		:	518
				ė.
		* 560 *.		
Seqid2	:	YQLPFTRTLSGAVFHDMGDAAANFKRMKLK	:	570
Seqid4	:		:	570
Seqid6	:	•••••	:	548
				•
		580 * 600		
Seqid2	:	HGSGLGVRWFSPLAPFSFDIAYGHSDKKIR	:	600
Seqid4	:		:	600
Seqid6	:		:	578
Seqid2	:	WHISLGTRF: 609		
Seqid4	:	: 609		
Seqid6	:	: 587		